## 3.2 Mfuzz 聚类分析 (MRNA)

* Content: 8, 10 为按时序上调
* Anonymous Comment: 8不能算上调吧 , 总感觉这个时序结果怪怪的...

Reply: 离散变化的多，没有持续变化的，客户数据不佳。已调整。

## 3.3 富集分析 (MRNA)

* Content:
* Anonymous Comment: 这个图的比例可以适当调整下，太宽了

Reply: 已调整

## 3.5 COX 回归 (LUNG)

* Content: 在单因素 COX 回归的基础上
* Anonymous Comment: 对那些基因进行COX?在怎么样的条件下，还保留多少个基因进行的lasso？

Reply: 已补充。

* Content: 见 Tab. [**1**](\l)
* Anonymous Comment: 要对所以的标识性结果进行描述或者解释，不然后期编辑不好写。

Reply: 已补充。

* Content:
* Anonymous Comment: 横坐标的λ呢？

Reply: 已修改。

* Content: **Tab.** **1** > LUNG sig Multivariate Cox Coefficients
* Anonymous Comment: 多因素筛到多少个基因？有没有用step进行基因过滤？

Reply: 基因数量已补充。用的是 Lasso 回归的多因素 cox (cv.glmnet), 不是 coxph 里的多因素 COX ，不需要 “step”。

## 3.6 Survival 生存分析 (LUNG)

* Content:
* Anonymous Comment: 样本名称不用展示 , 一般预后模型的基因最好控制在10个以内，后期做实验好把控，这将近30个基因，有点小多。

Reply: 已修改。

* Content:
* Anonymous Comment: 调整宽度，以及下方的表格和KM曲线横坐标不对称

Reply: 我觉得你这个要求太主观了，到拼图阶段才能知道是否宽吧，我没有调整。坐标轴是独立的，没必要调整。

## 3.7 GEO 数据获取 (GEO\_LUAD)

* Content:
* Anonymous Comment: 按照中位值不行，试着用survminer包中的surv\_cutpoint函数按照最佳阈值去划分组别，看看KM曲线会不会显著

Reply: 已调整。

* Content:
* Anonymous Comment: 这个不行，肺癌的数据集挺多的啊， , GSE30219 , GSE50081 , GSE31210 , GSE11969 , GSE68465

Reply: 你给的这些全是微阵列的，TCGA RNA-seq 训练的数据，效果会变差。